

## **Nueva Interfaz gráfica implementada en JavaFX para NGSEP 4**

Erick Duarte, Maria del Rosario León, Fernando Reyes, Jorge Duitama

Departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

La interfaz de usuario es un componente esencial para el manejo de herramientas informáticas por parte de diferentes tipos de usuario. Sin embargo, la mayoría de desarrollos de software libre para bioinformática no contemplan el desarrollo de interfaces fáciles de usar para estos productos. Las herramientas de bioinformática de software libre para análisis de datos de secuenciación de ADN son fundamentales para el análisis adecuado de los datos masivos de secuenciación que se generan en diferentes escenarios, desde el ensamblaje y análisis comparativo de genomas en genética evolutiva, hasta el descubrimiento de variantes genéticas relacionadas con enfermedades. Sin embargo, los inconvenientes de usabilidad de estas herramientas limitan su uso a expertos en biología computacional, excluyendo a aquellas que no cuenten con experiencia en esta área.

En este trabajo presentamos el resultado de los esfuerzos realizados por el grupo de desarrollo del software Next Generation Sequencing Experience Platform (NGSEP) para desarrollar una nueva interfaz gráfica, más intuitiva y fácil de instalar en diferentes sistemas operativos. Para esto se implementó la arquitectura MVC por medio de la tecnología JavaFX. En esta tecnología, la visualización es implementada en el lenguaje FXML, lo cual facilita exponer las funcionalidades en una aplicación de escritorio o una aplicación web. El manejo de procesos concurrentes de JavaFX facilita el control de los procesos asíncronos relacionados con las diferentes funcionalidades, comunicando la interfaz con el modelo disponible en el módulo NGSEPcore. Se implementaron todas las funcionalidades disponibles en la versión 4 de NGSEP. Esto incluye el flujo clásico de mapeo, descubrimiento, genotipado y análisis de variantes, el análisis de datos de novo de Genotipado por secuenciación (GBS) y el ensamblaje de novo de lecturas largas. Además de esto, están disponibles las funcionalidades de análisis de transcriptomas y la funcionalidad recientemente implementada de búsqueda de genes ortólogos y alineamiento de genomas completos.

Esperamos que este desarrollo sea de gran utilidad para facilitar a los usuarios actuales y futuros de NGSEP sus investigaciones en genómica comparativa. Así mismo, esperamos que la nueva interfaz sirva como un instrumento para facilitar la capacitación de nuevos investigadores en conceptos avanzados de análisis de datos de secuenciación de ADN.